**De: Biotecnología y Mejoramiento Vegetal II- Ed. INTA y ArgenBio, 2010.**

(Extracto del Cap.2 de Spangenberg G, Meier M y Echenique V)

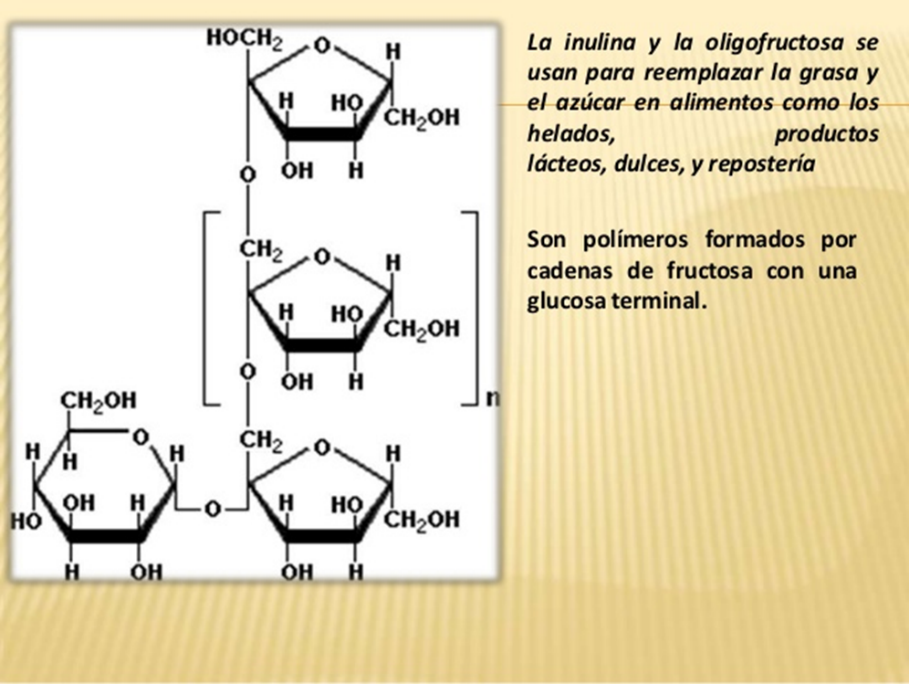
**Mejoramiento de Plantas Forrajeras**

**En los últimos años se ha realizado un considerable progreso en el establecimiento de las metodologías requeridas para el mejoramiento molecular de plantas forrajeras. Numerosas estrategias biotecnológicas están siendo consideradas en relación al mejoramiento de la calidad nutritiva a través de la alteración en la biosíntesis de lignina, carbohidratos solubles y protoantocianas, y de la expresión regulada de proteínas ricas en aminoácidos esenciales, resistentes al rumen. También se pretende incrementar la resistencia a patógenos y plagas, manipular el crecimiento y desarrollo a fin de incrementar la persistencia y demorar senescencia, impedir la floración, regular negativamente los alergenos del polen. Más recientemente el creciente interés en la producción de biocombustibles a partir de celulosa ha impulsado a la ingeniería genética de ligninas para facilitar la liberación de celulosa y hemicelulosa. Las primeras plantas forrajeras transgénicas están siendo evaluadas a campo y se han seleccionado eventos de transformación para el desarrollo de nuevos cultivares**.

Las herramientas genómicas permiten comprender mejor la genética, fisiología y bioquí- mica de varios procesos vegetales complejos y acelerar la aplicación de estrategias de tecnología génica para el mejoramiento de plantas forrajeras. La aplicación de herramientas y metodologías moleculares para el mejoramiento de estas especies complementa, en gran medida, a la selección empírica basada en el fenotipo. Estas estrategias son promisorias solamente cuando se las considera dentro de un programa de mejoramiento. Los programas más exitosos son aquellos que incluyen equipos multidisciplinario, cuyo esfuerzo resultará crítico para el desarrollo de cultivares destinados al mercado y para de plantas forrajeras destinadas a otros usos. La investigación genómica en las plantas forrajeras permite el desarrollo de tecnologías que van más allá de los sistemas de producción de forrajes, incrementando significativamente el valor de las semillas y de los productos agrícolas. La infinidad de genes vegetales que se descubren continuamente representan un recurso invalorable.

**2.1.2 Manipulación del metabolismo de fructanos.**

Los fructanos son moléculas de polifructosa producidas por varias especies de gramíneas para las cuales constituyen la principal forma de almacenamiento de carbohidratos solubles. Observaciones realizadas en líneas de raigrás que almacenan concentraciones elevadas de carbohidratos solubles indicaron que éstas no sufren disminuciones en la digestibilidad durante el verano, ya que estos carbohidratos parecen contrarrestar las disminuciones en digestibilidad debidas a lignificación, favoreciendo además la asimilación del forraje y de proteínas en el rumen y, concomitantemente, generando incrementos en el peso vivo. Un alto contenido de fructanos en los forrajes es de gran valor ya que pueden ser movilizados fácilmente para mantener el rebrote inmediatamente después de la defoliación, así como por añadir valor nutritivo para la alimentación del ganado.



La síntesis de fructosa en gramíneas involucra la acción concertada de al menos tres enzimas: sacarosa:sacarosa 1-fructosiltransferasa (1-SST), fructano:fructano 1- fructosiltransferasa (1-FFT) y sacarosa:fructano 6-fructosiltransferasa (6-SFT), que sintetizan la mezcla más compleja de fructanos ligados que se encuentra en pastos y cereales. Varios de los genes involucrados en esta vía metabólica han sido aislados y caracterizados, como el 6-SFT de cebada, el 6G-FFT de cebolla y el 1-SST de alcaucil. Su introducción en plantas desprovistas de fructanos nativos conduce a la acumulación de oligofructanos y, en plantas que los producen provocan la acumulación de nuevas variedades de los mismos. La introducción de un gen microbiano para la fructosiltransferasa (gen SacB) de Bacilus subtilis en plantas de tabaco y papa, que carecen de fructanos y acumulan almidón, condujo a la acumulación de cantidades considerables de fructanos de elevado peso molecular, que les confirieron un mejor rendimiento en situaciones de estrés. Esto demuestra que la sacarosa, el sustrato para la fructosiltransferasa, puede ser redireccionada en especies que no acumulan fructanos. La manipulación de la biosíntesis de fructanos en plantas transgénicas para mejorar la calidad del forraje y la tolerancia a estreses abióticos, está siendo explorada en leguminosas como Trifolium repens y Medicago sativa, y en gramíneas como Lolium perenne y Festuca arundinacea. Se ha reportado la obtención de plantas de L. multiflorum con alteraciones en el metabolismo de fructanos por la introducción de genes quiméricos de levansacarasa bacteriana.

También se dispone de ADNc de genes homólogos de la fructosiltransferasa de raigrás perenne. Estos han sido aislados, caracterizados y utilizados para la disección genética de la biosíntesis de fructanos en gramíneas transgénicas. También se han aislado y caracterizado otros genes de la vía que han sido introducidos y expresados en leguminosas y gramíneas. Por medio del análisis de secuencias, utilizando la técnica de microarreglos y Northern blot se determinaron los perfiles de expresión de los genes involucrados en la vía de fructanos en raigrás perenne. La organización de los genes, el número de copias y su ubicación en el mapa genético se determinaron utilizando marcadores moleculares. También se construyeron vectores para la regulación mediante ARN sentido y antisentido de los genes mencionados. Las correspondientes plantas transgénicas se utilizan para la disección molecular del metabolismo del fructanos y para comprender su rol fisiológico en las plantas, y también para mejorar el valor nutritivo, persistencia y calidad utilizando genes de la misma especie. Estos estudios también aportarán información acerca de su rol funcional en la tolerancia al frío y la sequía. Este conocimiento es clave para el diseño de experimentos tendientes a la obtención de plantas transgénicas con mejor calidad de forraje y tolerancia a estreses abióticos.